

Genomische Inzucht: Wie hoch ist sie in Schweizer Schaf- und Ziegenrassen?

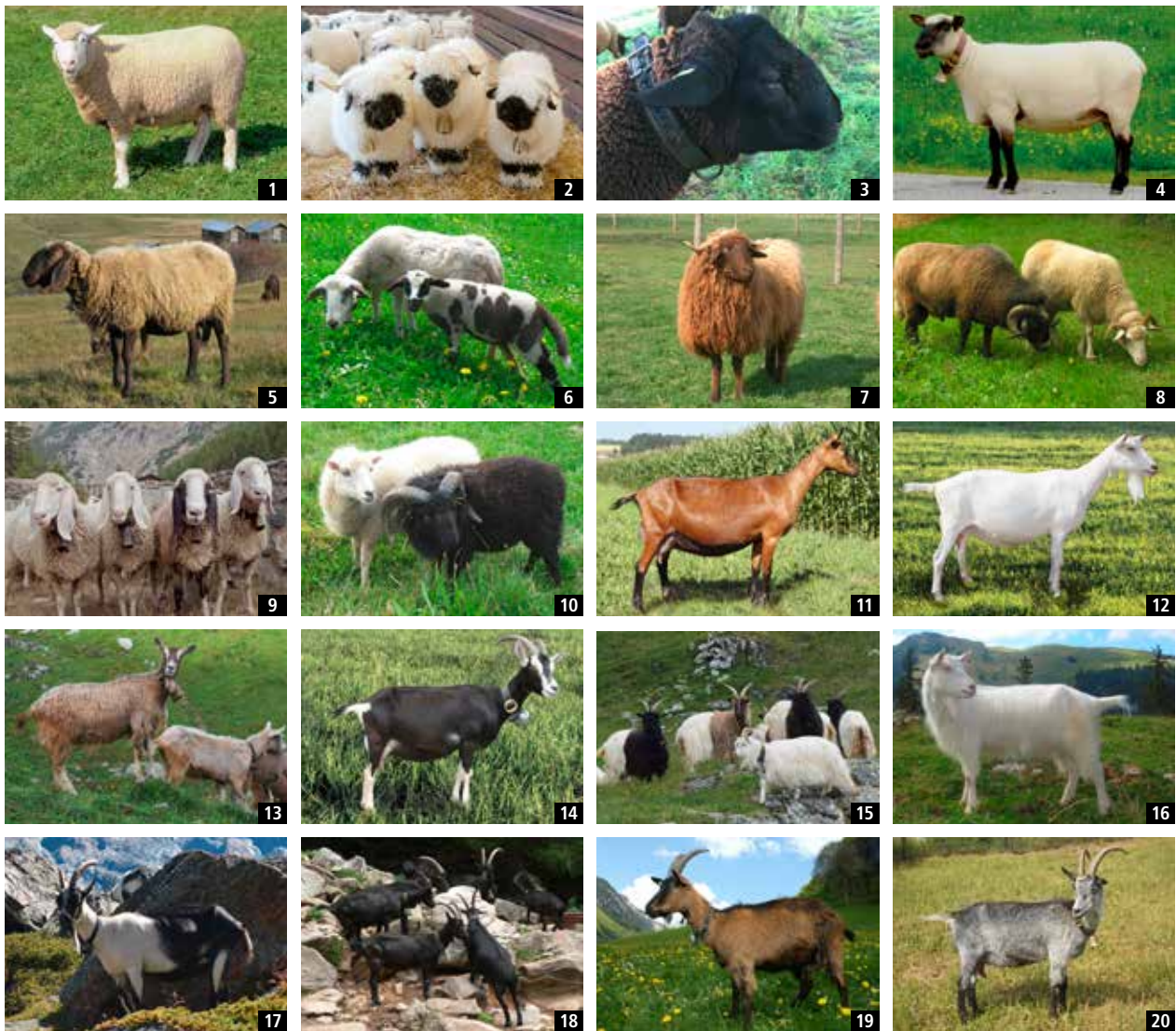
Heidi Signer-Hasler¹, Alexander Burren¹, Philippe Ammann², Cord Drögemüller³ und Christine Flury¹

¹Hochschule für Agrar-, Forst- und Lebensmittelwissenschaften HAFL, Berner Fachhochschule, 3052 Zollikofen, Schweiz

²ProSpecieRara, 4052 Basel, Schweiz

³Institut für Genetik, Vetsuisse-Fakultät, Universität Bern, 3012 Bern, Schweiz

Auskünfte: Heidi Signer-Hasler, E-Mail: heidi.signer@bfh.ch



1. Weisses Alpenschaf: SSZV; 2. Walliser Schwarznasenschaf: SSZV; 3. Schwarzbraunes Bergschaf: C. Flury; 4. Braunköpfiges Fleischschaf: SSZV; 5. Engadinerschaf: ProSpecieRara / M. Alig; 6. Spiegelschaf: ProSpecieRara; 7. Walliser Landschaf: ProSpecieRara; 8. Bündner Oberländerschaf: ProSpecieRara; 9. Saaser Mutt: ProSpecieRara; 10. Ouessant: Verein Ouessantschafe Schweiz; 11. Gämsfarbige Gebirgsziege: SSZV; 12. Saanenziege: SSZV; 13. Toggenburger Ziege: SSZV; 14. Bündner Strahlenziege: SSZV; 15. Walliser Ziege: SSZV; 16. Appenzellerziege: SSZV; 17. Pfauenziege: SSZV; 18. Nera Verzasca: SSZV; 19. Stiefelgeiss: ProSpecieRara; 20. Capra Grigia: ProSpecieRara.

Einleitung

In der Schweiz gibt es aktuell zehn lokale Ziegenrassen und neun lokale Schafrassen (Tab. 1 und 2). Hinzu kommen weitere drei Ziegen- (Burenziege, Anglo Nubian Ziege, Tauernschecken) und elf Schafrassen (Charollais, Rouge de l'Ouest, Shropshire, Dorper, Lacauene, Skudden, Ile de France, Suffolk, Texel, Ouessant, Saaser Mutten), die ihren Ursprung nicht in der Schweiz haben oder aktuell nicht als lokale Rassen anerkannt sind. Somit weist die Schweiz im Bereich der Kleinwiederkäuer eine grosse Rassenvielfalt aus. Historisch wird angenommen, dass die Anpassung an die klimatischen und topographischen Bedingungen in den verschiedenen Alpentälern die Grundlage für die heutige Rassenvielfalt bildet. Es stellt sich die Frage, wie es aktuell um die genetische Vielfalt innerhalb der verschiedenen Rassen steht. Die mittlere Inzucht beziehungsweise die Entwicklung der Inzucht im Laufe der Zeit ist ein wichtiger Parameter für die Beschreibung der genetischen Vielfalt und für die Herleitung des Gefährdungsstatus einer Rasse. In der Vergangenheit wurde die mittlere Inzucht basierend auf Pedigreeinformation geschätzt (z.B. Burren *et al.* 2012). Durch die Verfügbarkeit von genomweiter Markerinformation kann die realisierte Inzucht einer Rasse heute mittels genomischer Inzucht beschrieben werden (Burren *et al.* 2016; Signer-Hasler *et al.* 2019). Ein gebräuchliches Mass dafür ist die genomische Inzucht (F_{ROH}) basierend auf sogenannten *Runs of homozygosity* (ROH). ROH sind lange Segmente des Genoms die homozygot (reinerbig) vorkommen. F_{ROH} bietet einerseits die Möglichkeit Inzucht für Populationen herzuleiten, die keine oder nur unvollständige Pedigree-Information (z.B. Saaser Mutten, Ouessant Schafe) haben. Weiter können Unterschiede in der Inzucht von Vollgeschwistern aufgezeigt werden und zudem wird auch ersichtlich, wo im Erbgut Inzucht gewirkt hat (Signer-Hasler *et al.* 2019). Im Rahmen der vorliegenden Arbeit wurden die Genotypen von total 1120 Schafen von elf Rassen und die Genotypen von 332 Ziegen von zehn Rassen ausgewertet (Tab. 1 und 2). Für jede dieser 21 Rassen wurde die mittlere genomische Inzucht mittels F_{ROH} bestimmt.

Material und Methoden

Alle verfügbaren Genotypen (Stand Mai 2019) für Schafe und Ziegen wurden herangezogen und die gemeinsamen rund 50 000 SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*) zwischen den unterschiedlichen Chipklassen innerhalb Spezies extrahiert. Die SNP-Daten wurden nach gängigen Vorgaben gefiltert. Nach dem Filtern standen im

Zusammenfassung

Die Entwicklung moderner Technologien erlaubt es heute, mittels einer DNA-Genotypisierung den Zustand an Tausenden von Stellen im Erbgut eines Tieres aufzudecken. Diese Information kann verwendet werden, um die genomische Inzucht herzuleiten. Dies ist wertvoll für Populationen, die keine oder nur unvollständige Pedigree-Information haben. Weiter können Unterschiede in der Inzucht von Vollgeschwistern aufgezeigt werden und es kann sichtbar gemacht werden, wo im Erbgut Inzucht gewirkt hat. Dadurch liefert sie Anhaltspunkte zur genetischen Vielfalt innerhalb einer Rasse. In dieser Studie wurde für 1120 Schafe von elf Rassen und für 332 Ziegen von zehn Rassen die genomische Inzucht hergeleitet. Für die untersuchten Tiere der Ziegenrassen Saanenziege (SA), Toggenburgerziege (TO), Bündner Strahlenziege (BS), Walliser Ziegen (WZ), Appenzellerziege (AP) und Stiefelgeiss (ST), sowie der Schafrassen Walliser Schwarznasenschaf (SN), Spiegelschaf (SPS), Walliser Landschaf (WLS) und Ouessant Schaf (OUE) wurde eine durchschnittliche genomische Inzucht $>6,25\%$ berechnet. Generell erlaubt der Miteinbezug von genomischen Daten ein besseres Verständnis der Verwandtschafts- und Inzuchtverhältnisse in Schweizer Rassen. Dadurch sind differenziertere Entscheide für die Zucht und allfällige Erhaltungsaktivitäten möglich.

Tab. 1 | Übersicht über die Anzahl genotypisierter Tiere je Schafrasse, deren Bedeutung in der Schweiz, die Anzahl Herdebuchtiere 2017 und deren Gefährdungsstatus gemäss FAO.

Rasse (Kürzel)	Kategorie*	Anz. HB-Tiere 2017	Gefährdungsstatus FAO	Anzahl Genotypen
Weisses Alpenschaf (WAS)	H	23 682	Nicht gefährdet	662
Walliser Schwarznasenschaf (SN)	H	12 985	Nicht gefährdet	60
Schwarzbraunes Bergschaf (SBS)	H	8 582	Nicht gefährdet	24
Braunköpfiges Fleischschaf (BFS)	H	7 746	Nicht gefährdet	34
Engadinerschaf (ENS)	K	2 682	Gefährdet	31
Ostfriesisches Milchscha (OFM)	K	2 184	Gefährdet	47
Spiegelschaf (SPS)	K	1 409	Gefährdet	49
Walliser Landschaf (WLS)	K	1 016	Gefährdet	96
Bündner Oberländerschaf (BOS)	K	769	Gefährdet	24
Saaser Mutten (SM)	A	250	NA	47
Ouessant (OUE)	A	200	NA	46
Total Schafe				1 120

*H: Hauptrasse; K: kleine, lokale Schweizer Rasse; A: andere Rasse

Schafdatensatz für elf Rassen die Genotypen von 1120 Tieren und 24925 SNP (Positionen gemäss Assembly Oar_rambouillet-v1.0; <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/PEKD00000000.1/>) zur Verfügung (Tab. 1). Analog standen im Ziegendatensatz für zehn Rassen die Genotypen von 332 Tieren und 42595 SNP (Positionen gemäss Assembly ARS1; Bickhart et al. 2017) zur Verfügung (Tab. 2). In einem ersten Schritt wurden diese Daten für eine MDS-Analyse (Multi-Dimensional-Scaling) mit PLINK v1.9

(Chang et al. 2015) mit folgenden Optionen: --genome --cluster --mds-plot 3. PLINK v1.9 (Chang et al. 2015) verwendet. Weiter wurde für die Herleitung der Runs of homozygosity (ROH) mit den folgenden Parametern: --homozyg --homozyg-density (Schaf: 150 / Ziege: 100) --homozyg-snp 40 gearbeitet. Die genomische Inzucht F_{ROH} berechnet sich dann aus der aufsummierten Länge homozygoter Segmente dividiert durch die Gesamtlänge des Erbguts und entspricht somit dem Anteil des Erbgutes, welcher in reinerbiger Form vorliegt.

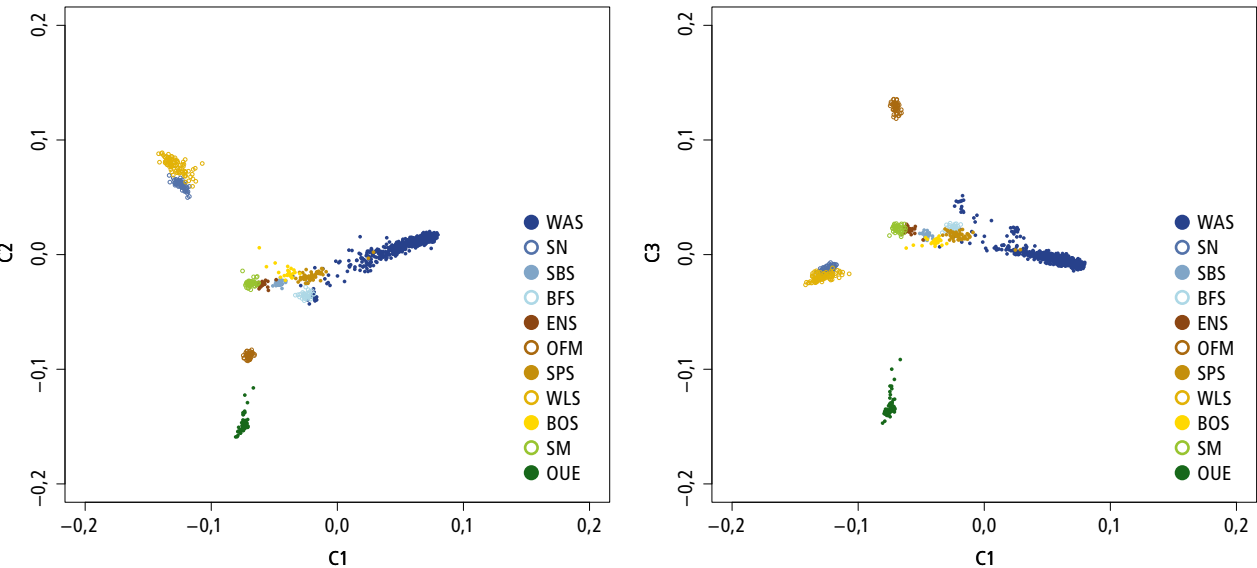


Abb. 1 | MDS-Plot für die elf untersuchten Schafrassen für die ersten zwei Dimensionen links und die erste und dritte Dimension rechts.

Tab. 2 | Übersicht über die Anzahl genotypisierter Tiere je Ziegenrasse, deren Bedeutung in der Schweiz, die Anzahl Herdebuchtiere 2017 und deren Gefährdungsstatus gemäss FAO.

Rasse (Kürzel)	Kategorie*	Anzahl HB-Tiere 2017	Gefährdungsstatus FAO	Anzahl Genotypen
Gämsfarbige Gebirgsziege (GG)	H	9328	Nicht gefährdet	61
Saanenziege (SA)	H	6146	Nicht gefährdet	42
Toggenburger Ziege (TO)	H	3412	Gefährdet	24
Bündner Strahlenziege (BS)	K	2834	Gefährdet	36
Walliser Ziege (WZ)**	K	1894***	Gefährdet	24
Appenzeller Ziege (AP)	K	1263	Gefährdet	21
Pfauenziege (PF)	K	1193	Gefährdet	26
Nera Verzasca (NV)	K	814	Gefährdet	48
Stiefelgeiss (ST)	K	493	Gefährdet	16
Capra Grigia (CG)	K	426	Gefährdet	34
Total Ziegen				332

* H: Hauptrasse; K: kleine, lokale Schweizer Rasse

** Für die vorliegende Arbeit standen Genotypen der zwei Rassen Schwarzhalsziege und Kupferhalsziege zur Verfügung.

Die Genotypen dieser zwei Gruppen/Farbschläge wurden in der vorliegenden Arbeit als gleiche Population mit der Bezeichnung Walliser Ziege behandelt.

*** Der Herdebuchbestand ist dargestellt für die Walliser Schwarzhalsziege.

Resultate

Populationsstruktur

Bei genomischen Analysen geht es in einem ersten Schritt darum, Strukturen in den Daten aufzudecken und festzustellen, wie ähnlich/unähnlich die einzelnen Tiere und Rassen einander sind. Zu diesem Zweck wurden basierend auf den Genotypen genetische Distanzen zwischen allen Tieren hergeleitet und mittels einem multi-dimensional-scaling (MDS) Plot im dreidimensionalen Raum

(Achsen C1, C2 und C3) visualisiert. In den Abbildungen 1 (Schaf) und 2 (Ziegen) entspricht jeder Punkt einem Tier mit Genotyp. Die Distanz zwischen zwei Punkten gibt Auskunft über die genetische Ähnlichkeit oder Verschiedenheit zwischen zwei Tieren. Somit ist für Tiere einer geschlossenen Rasse zu erwarten, dass diese näher bei einander liegen, als Tiere unterschiedlicher Rassen. Betrachtet man für die Schafe die ersten zwei Achsen C1 und C2 erkennt man klar die Separierung der Walliser Rassen (SN, WLS), sowie die Separierung von OFM

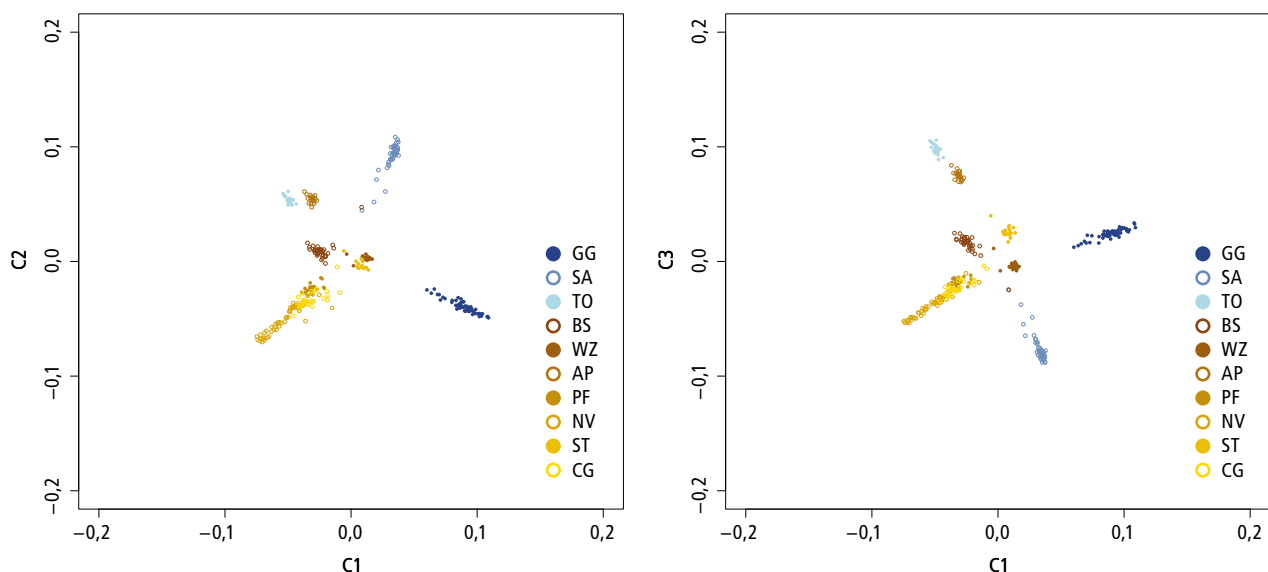


Abb. 2 | MDS-Plot für die zehn untersuchten Ziegenrassen für die ersten zwei Dimensionen links und die erste und dritte Dimension rechts.

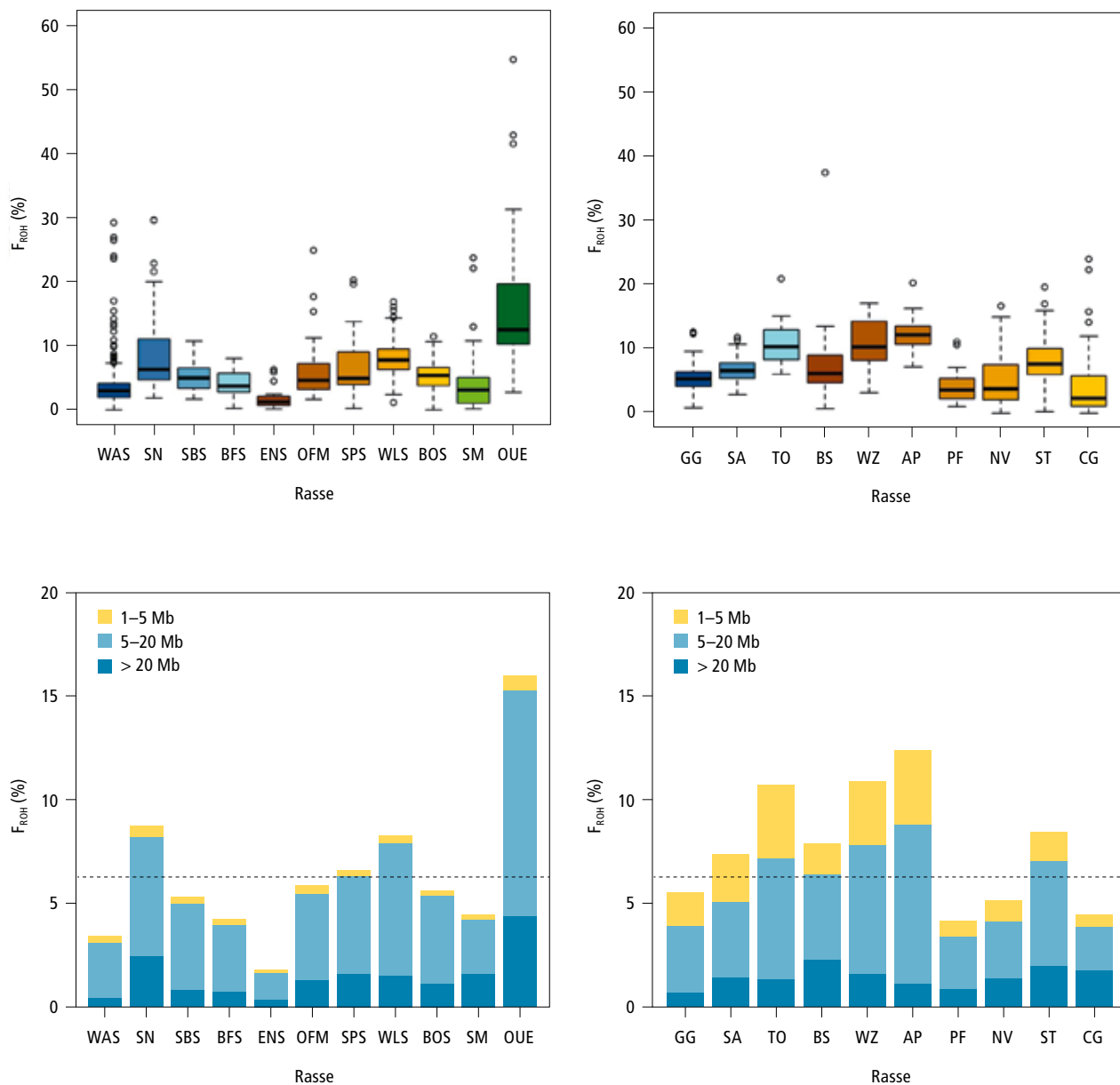


Abb. 3 | Oben: Boxplot der genomischen Inzucht F_{ROH} für Schafe (links) und Ziegen (rechts). Unten: Balkendiagramm der durchschnittlichen genomischen Inzucht total und in Abhängigkeit der ROH-Segmentlänge für Schafe (links) und Ziegen (rechts).

und OUE von den restlichen Rassen (Abb. 1). Betrachtet man zusätzlich die Achsen C1 und C3 clustern OFM und OUE noch weiter voneinander weg. Abgesehen von der Stichprobe der WAS-Tiere bilden die Punkte der verschiedenen Rassen eigene Cluster und somit ist von unabhängigen Rassen ohne Tieraustausch auszugehen. Für die Mehrheit der WAS-Tiere trifft dies grösstenteils auch zu. Es gibt jedoch einzelne WAS-Tiere die mit den anderen Rassen (z.B. SPS und BFS) überlappen (Abb. 1). Für

die vorliegende Arbeit wurden alle (aus verschiedenen Projekten) verfügbaren Genotypen mit der jeweiligen Rassenangabe verwendet. Es wird angenommen, dass im Rahmen z.B. des Moderhinke-Projektes (Niggeler *et al.* 2017) die eindeutige Rassenzugehörigkeit nicht prioritär war für die Bearbeitung der Forschungsfrage und deshalb Genotypen von WAS-Kreuzungstieren der Rasse WAS zugeordnet wurden.

Für die Ziegenrassen zeigen sich basierend auf den ersten zwei Achsen C1 und C2 die grössten Distanzen zwischen den Rassen SA und GG und allen anderen Rassen (Abb. 2). Die Rassen TO und AP clustern vergleichsweise nahe zueinander, zeigen jedoch zu den anderen Rassen ebenfalls grosse Distanzen. Im Zentrum der Abb. 2 liegen die Rassen BS, WZ (Schwarzhalsziege und Kupferhalsziege) und ST. Betrachtet man die Achsen C1 und C3 separieren sich ST und WZ. Basierend auf den ersten drei Dimensionen sind die Distanzen zwischen den Rassen CG, NV und PF kleiner im Vergleich mit den Distanzen zwischen den anderen Rassen. Dieses Ergebnis kann einerseits mit der Erhaltungsgeschichte dieser Rassen begründet werden. Aufgrund der kleinen Stichprobe kann jedoch ein Stichprobeneffekt nicht ganz ausgeschlossen werden. Somit besteht Bedarf die Anzahl verfügbarer Genotypen pro Rasse in Folgeprojekten weiter auszuweiten.

Genomische Inzucht F_{ROH}

Die durchschnittliche genomische Inzucht F_{ROH} ist in Abbildung 3 dargestellt. F_{ROH} variiert innerhalb der Ziegenrassen von 4,2 % (PF) bis 12,4 % (AP) und innerhalb der Schafrassen von 1,8 % (ENS) bis 16,0 % (OUE). Die erwartete Inzucht für einen Nachkommen aus der Paarung von Cousin und Cousine entspricht 6,25 %. Aus Abbildung 3 (unten) wird ersichtlich, dass die untersuchten Tiere der Ziegenrassen SA, TO, BS, WZ, AP und ST und der Schafrassen SN, SPS, WLS und OUE eine durchschnittliche genomische Inzucht haben, welche über 6,25 % liegt. Das heisst, dass die Eltern dieser Tiere im Schnitt näher verwandt waren als Cousin und Cousine. Der Anteil gegenwärtiger Inzucht ($ROH > 20$ Mb) an der totalen durchschnittlichen genomischen Inzucht ist bei den Schafen am grössten für SM (35,7 %), gefolgt von SN (27,7 %), OUE (27,2 %) und SPS (23,9 %) und am kleinsten für WAS (11,4 %). Bei den Ziegen ist der Anteil gegenwärtiger Inzucht ($ROH > 20$ Mb) an der Gesamtinzucht am grössten für CG (38,6 %), BS (28,3 %), NV (26,0 %) und ST (23,0 %) und am kleinsten für die AP (8,9 %).

Diskussion und Schlussfolgerungen

In Abbildung 3 ist festzustellen, dass der Anteil alter Inzucht (Segmente 1–5 Mb lang) an der Gesamtinzucht beim Schaf deutlich kleiner ist als bei der Ziege. Bei gleicher Markerdichte könnte dieses Ergebnis als Hinweis auf mehr historische Flaschenhälse in der Geschichte der Ziegenrassen im Vergleich mit den Schafrassen gedeutet werden. Im vorliegenden Fall muss dieses Ergebnis

jedoch hauptsächlich durch die geringere Markerdichte beim Schaf erklärt werden. Dieser Unterschied in der Datendichte kommt hauptsächlich daher, dass bei den Schafen genetisch unterschiedlichere Rassen verglichen wurden und somit im Filterprozess der SNP-Daten bei den Schafen mehr SNP rausgefallen sind. In einer anderen Studie mit weniger Schafen, aber einer höheren Markerdichte von durchschnittlich 1 SNP alle 72 kb (also ähnlich zur Situation der Ziegen in dieser Studie) war der Anteil der Segmente von 1–5 Mb an der Gesamt-Inzucht vergleichbar mit jenem von der Ziege in dieser Studie (Signer-Hasler *et al.* 2019).

Für sieben Rassen war die durchschnittliche genomische Inzucht grösser als 8 %: vier Ziegenrassen – AP (12,4 %), WZ (10,9 %), TO (10,7 %) und ST (8,4 %) – und drei Schafrassen – OUE (16,0 %), SN (8,7 %) und WLS (8,3 %). Das Ouessantschaf ist das kleinste Schaf Europas. Die Rasse stammt ursprünglich von der kargen und windigen Insel Ouessant vor der bretonischen Küste ab und gilt in Frankreich als gefährdete Rasse. In den vergangenen Jahren wurden einzelne Zuchttiere in die Schweiz importiert und im Jahr 2014 wurde der Verein Ouessantschafe Schweiz gegründet (<https://ouessant-schafe.ch/>). Die hier berücksichtigten Tiere sind also eine Auswahl von wenigen Tieren einer gefährdeten Rasse aus dem Ausland. Somit ist die vergleichsweise hohe mittlere genomische Inzucht nicht erstaunlich. Für die Ouessantzüchter ist es wichtig, dass möglichst unverwandte Tiere angepaart werden und allenfalls noch weitere Zuchttiere aus dem Ausland importiert werden. Die hohe mittlere Inzucht in den Rassen SN und WLS ist bereits aus anderen Studien bekannt (Burren *et al.* 2012; Signer-Hasler *et al.* 2019) und wird hauptsächlich mit der geografischen Isolation dieser genetisch einzigartigen Rassen (Kijas *et al.* 2014) erklärt. Es gilt dabei zu beachten, dass es sich bei der Rasse Schwarznasenschaf um eine Haupt rasse mit knapp 13 000 Herdebuchtieren handelt (Tab. 1). Auch wenn der Bestand vergleichsweise hoch ist, wird den Züchtern empfohlen die Verwandtschaftsverhältnisse bei der Auswahl von Paarungspartnern unbedingt zu beachten.

Auch bei den Ziegenrassen ist mit der Toggenburgerziege eine Hauptrasse (Tab. 2) unter den Rassen mit einer hohen mittleren genomischen Inzucht. Basierend auf Pedigreeinformation bis ins Jahr 2017 ist für diese Rasse die mittlere aktuelle Inzucht grösser als 6,25 % (Burren *et al.* unveröffentlicht). Für die Rasse Schwarzhalsziege wurde basierend auf Pedigreeinformation ebenfalls eine mittlere pedigreebasierte Inzucht von $> 6,25$ % beobachtet. Für die Rasse Appenzellerziege lag diese bis ins Jahr 2017 bei 4,75 %. Es muss jedoch angenommen werden,

dass dieser Wert unterschätzt ist, da die Pedigreevollständigkeit im Vergleich mit den Rassen Schwarzhalsziege und Toggenburgerziege tiefer war (Burren *et al.* unveröffentlicht). Für die Rasse Stiefelgeiss lag zum Zeitpunkt der Auswertungen kein aktualisiertes Pedigree vor und somit konnte der genomische Schätzwert nicht mit Pedigreeinformation validiert werden. Bei dieser Rasse handelt es sich jedoch um eine Population mit wenigen Herdebuchtieren (Tab. 2), die wohl nur dank den Aktivitäten von ProSpecieRara heute überhaupt noch existiert. Somit erscheint die vergleichsweise hohe mittlere genomische Inzucht plausibel. Abschliessend gilt es anzumerken, dass die vorliegenden Ergebnisse auf Stichproben beruhen und für die Rassen mit wenigen Genotypen die Aussagekraft sicher limitiert ist. Deshalb werden in Zukunft weitere Tiere genotypisiert. Dadurch

wird die Grundlage geschaffen, die aktuellen Ergebnisse weiter zu validieren und zu vertiefen. Generell erlaubt der Miteinbezug genomischer Daten ein besseres Verständnis der Verwandtschafts- und Inzuchtverhältnisse in Schweizer Rassen. Dadurch sind differenziertere Entscheide für allfällige Erhaltungsaktivitäten möglich. ■

Dank

Wir danken dem Bundesamt für Landwirtschaft für die finanzielle Unterstützung des Projektes. Weiter danken wir dem Schweizerischen Schafzuchtverband, dem Schweizerischen Ziegenzuchtverband, ProSpecieRara und den verschiedenen Zuchtvereinen sowie den Züchtern für die Bereitschaft ihre Tiere beproben zu lassen und relevante Informationen aus den jeweiligen Herdebüchern für das Projekt zur Verfügung zu stellen.

Literatur

- Bickhart D.M., Rosen B.D., Koren S., Sayre B.L., Hastie A.R., Chan S., et al. 2017. Single-molecule sequencing and chromatin conformation capture enable de novo reference assembly of the domestic goat genome. *Nature Genetics* **49**, 643–650.
- Burren A., Flury C., Aeschlimann C., Hagger C. & Rieder S., 2012. Populationsstruktur und genetische Diversität von Schweizer Schafrassen. *Agrarforschung Schweiz* **3** (3), 140–147.
- Burren A., Neuditschko M., Signer-Hasler H., Frischknecht M., Reber I., Menzi F., Drögemüller C. & Flury C., 2016. Genetic diversity analyses reveal first insights into breed-specific selection signatures within Swiss goat breeds. *Animal Genetics* **47** (6), 727–739.
- Chang C.C., Chow C.C., Tellier L.C.A.M., Vattikuti S., Purcell S.M. & Lee J.J., 2015. Second-generation PLINK: rising to the challenge of larger and richer datasets. *GigaScience* **4**, 1–16.
- Signer-Hasler H., Burren A., Ammann P., Drögemüller C. & Flury C., 2019. Runs of homozygosity and signatures of selection – a comparison among eight local Swiss sheep breeds. *Animal Genetics*, <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1111/age.12828>.
- Kijas J.W., Porto-Neto L., Dominik S., Reverter A., Bunch R., McCulloch R., Hayes B.J., Brauning R., McEwan J. & International Sheep Genomics Consortium, 2014. Linkage disequilibrium over short physical distances measured in sheep using a high-density SNP chip. *Animal Genetics* **45**, 754–757.
- Niggeler A., Tetens J., Stäubli A., Steiner A., Drögemüller C. 2017. A genome-wide significant association on chromosome 2 for footrot resistance/susceptibility in Swiss White Alpine sheep. *Journal of Animal Genetics* **48** (6), 712–715.

Riassunto**Consanguineità genomica nelle razze ovine e caprine svizzere**

Lo sviluppo delle moderne tecnologie permette oggi, tramite la genotipizzazione del DNA, di individuare migliaia di marcatori genetici nel patrimonio genetico di un animale. Questa informazione può essere utilizzata per derivare la consanguineità genomica, che è molto utile per le popolazioni il cui pedigree è assente o incompleto. Inoltre, possono essere evidenziate differenze nella consanguineità tra fratelli pieni e può essere accertato dove la consanguineità abbia influenzato il patrimonio genetico. La consanguineità fornisce in tal modo indicazioni sulla diversità genetica all'interno di una razza. Nel presente studio è stata ricavata la consanguineità genomica di 1120 pecore appartenenti a undici razze e di 332 capre di dieci razze. Per gli animali esaminati appartenenti alle razze caprine Saanen (SA), Toggenburgo (TO), Striata grigionese (BS), Capre vallesane (WZ), Appenzello (AP) e Sangallese dagli stivali (ST), così come per le razze ovine Naso nero del Vallese (SN), Pecora dagli specchi (SPS), Roux du Valais (WLS) e Nana d'Ouessant (OUE) è risultata una consanguineità genomica media superiore al 6,25 %. In generale, la presa in considerazione dei dati genomici permette una migliore comprensione dei gradi di parentela e delle relazioni di consanguineità nelle razze svizzere e in tal modo rende possibili scelte più consapevoli nell'allevamento e in eventuali attività di conservazione delle razze.

Summary**Extent of genomic inbreeding in Swiss sheep and goat breeds**

The development of modern technologies now allows thousands of genetic markers in an animal's genome to be revealed by means of DNA genotyping. This information can be used to deduce genomic inbreeding. This is valuable for populations that have no, or only incomplete, pedigree information. Furthermore, differences in the inbreeding of full siblings can be demonstrated and it is possible to identify where in the genome the inbreeding has had an effect. In this way it provides clues to genetic diversity within a breed. In this study, genomic inbreeding was investigated for 1,120 sheep from eleven breeds and for 332 goats from ten breeds. An average genomic inbreeding >6.25 % between individual animals was observed in the goat breeds Saanen (SA), Toggenburg (TO), Grisons Striped (BS), Valais goat (WZ), Appenzell (AP) and Stiefelgeiss (ST), as well as for the sheep breeds Valais Blacknose (SN), Spiegel (SPS), Roux du Valais (WLS) and Ouessant (OUE). In general, the consideration of genomic data allows a better understanding of kinship and inbreeding conditions in Swiss breeds and therefore enables better decision-making in relation to breeding and possible conservation activities.

Key words: genomic inbreeding, runs of homozygosity, local breeds, sheep, goat.